

УДК 575:582.89

А. Д. Чикурова¹,
О. Е. Валуйских², Д. М. Шадрин²

¹Сыктывкарский государственный университет им. Питирима Сорокина,
167000, Россия, г. Сыктывкар, ул. Петрозаводская, 12,
cikurovaangelina@gmail.com,

²Институт биологии Коми НЦ УрО РАН,
167000, Россия, г. Сыктывкар, ул. Коммунистическая, 24,
valuyskikh@ib.komisc.ru

ИДЕНТИФИКАЦИЯ *PHLOJODICARPUS VILLOSUS* (APIACEAE) НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ITS2 И *trnH-psbA*

Ключевые слова: *Phlojodicarpus villosus*, ДНК-штрихкодирование, Красная книга, охрана растений.

С развитием молекулярно-генетических методов стала возможна идентификация организмов с использованием молекулярных маркеров, так называемая генетическая паспортизация (DNA-barcoding). Одними из нуклеотидных последовательностей, используемые в ДНК-штрихкодировании сосудистых растений и рекомендуемые международными протоколами [1], являются участки межгенного спейсера *trnH-psbA* и ядерной – ITS2 ДНК.

Phlojodicarpus villosus (Turcz. ex Fisch. & C.A. Mey.) Turcz. ex Ledeb. – вид семейства *Apiaceae*, очень редко встречается на Урале и как плейстоценовый реликт занесен в Красные книги многих регионов [2–5]. Изолированные популяции *P. villosus* спорадически встречаются на Урале и сосредоточены в пределах Северного и Приполярного Урала [6]. В международных базах генетических данных GenBank и BOLD Systems последовательности маркеров *trnH-psbA* и ITS2 для данного вида отсутствуют [1, 7].

Цель – оценить возможность применения последовательностей *trnH-psbA* и ITS2 в качестве ДНК-штрихкода для редкого на Урале вида *P. villosus*. Материалом для исследования служили гербарные образцы *P. villosus*, собранные в Республике Коми (хранятся в гербарии Института биологии Коми НЦ УрО РАН, г. Сыктывкар). Секвенирование образцов выполняли с использованием оборудования Центра коллективного пользования «Молекулярная биология» Института биологии Коми НЦ УрО РАН. В анализ также были включены имеющиеся в базе данных GenBank последовательности 33 видов из сестринских родов *Seseli*, *Karatavia*, *Libanotis* и другие таксоны семейства *Apiaceae* [8]. Выравнивание последовательностей и филогенетический анализ выполнен в программе MEGA X [9]. Филогенетические деревья построены с использованием метода максимального правдоподобия (ML).

Впервые получены последовательности ITS2 и *trnH-psbA* для *P. villosus*. Длина последовательности ITS2 составила 221 п.н., *trnH-psbA* – 203 п.н. На филогенетических деревьях показано место *P. villosus* среди видов семейства *Apiaceae*. Новые последовательности ITS2 и *trnH-psbA* планируется депонировать в базы генетических данных. Полученные сведения позволят составить генетический паспорт *P. villosus*, который можно

будет использовать при составлении программ по сохранению популяций и защите редких видов растений.

Работа выполнена в рамках государственного задания по теме «Разнообразие растительного мира западного макросклона Приполярного Урала» (№ АААА–А19–119011790022–1).

Список литературы

1. BOLD Systems (2020). [Published on-line] URL: <http://www.boldsystems.org> (date of access: 30.09.2020).
2. Красная книга Республики Коми. Сыктывкар: ООО «Коми республиканская типография», 2019. 768 с.
3. Красная книга Ханты-Мансийского автономного округа – Югры. Екатеринбург, 2013. 460 с.
4. Красная книга Свердловской области: животные, растения, грибы. Екатеринбург: ООО «Мир», 2018. 450 с.
5. Красная книга Пермского края, 2018. [Электронный ресурс] URL: <http://redbook.permecology.ru> (дата обращения: 24.08.2020).
6. Чикурова А. Д., Валуйских О. Е. // Биодиагностика состояния природных и природно-техногенных систем: Материалы XVII Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. Книга 2. (г. Киров, 5 декабря 2019 г.). Киров: ВятГУ, 2019. 396 с.
7. National Center for Biotechnology Information (NCBI). [Published on-line] URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> (date of access: 30.08.2020).
8. Katz-Downie D. S., Valiejo-Roman C. M., Terentieva E. I. et al. // Plant Systematics and Evolution. 1999. Vol. 216. P. 167–195.
9. Kumar S., Stecher G., Li M. et al. // Molecular Biology and Evolution. 2018. Vol. 35(6). P. 1547–1549.